
研究揭示水稻miRNA和花粉发育的表观遗传调控机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14843.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

7月21日，New

Phytologist

在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员段成国课题组和厦门大学教授李庆顺课题组合作完成的题为Intragenic Heterochromatin-mediated Alternative Polyadenylation Modulates MiRNA and Pollen Development in

Rice

的研究论文。该研究发现表观遗传复合体AAE对于水稻miRNA的积累和花粉的正常发育是必需的。该复合体通过识别基因内的甲基化DNA和H3K9me2等异染色质组分调控基因的APA。这些基因参与众多重要的生物学过程，其中包

括外切核酸酶基因OsXRNL

。该基因编码的外切核酸酶参与miRNA前体的降解，从而影响miRNA的积累和miRNA依赖的花粉发育。

在真核基因组中存在广泛的转座组分（TE）插入蛋白编码基因内部的现象，尤其是在水稻、玉米等作物的基因组中，含有TE基因的比例较高。TE上富含DNA甲基化与H3K9me2等异染色质修饰，对于这些表观遗传修饰在基因表达中的作用，段成国课题组在此前模式植物拟南芥的研究中发现（Duan et al., 2017; Wang et al., 2013），一个三组分表观遗传复合体AAE（ASI1-AIPP1-EDM2）能够识别基因内的异染色质修饰（Intragenic heterochromatin），促进末端多聚腺苷酸化机制（APA）的发生和全长转录本的加工。AAE蛋白复合体或异染色质修饰的缺失都会导致基因在近端添加poly(A)，导致非正常RNA的加工（Zhang et al., 2020; Zhang et al., 2021）。然而，学界尚不清楚该机制是否广泛存在于植物中及其重要性。

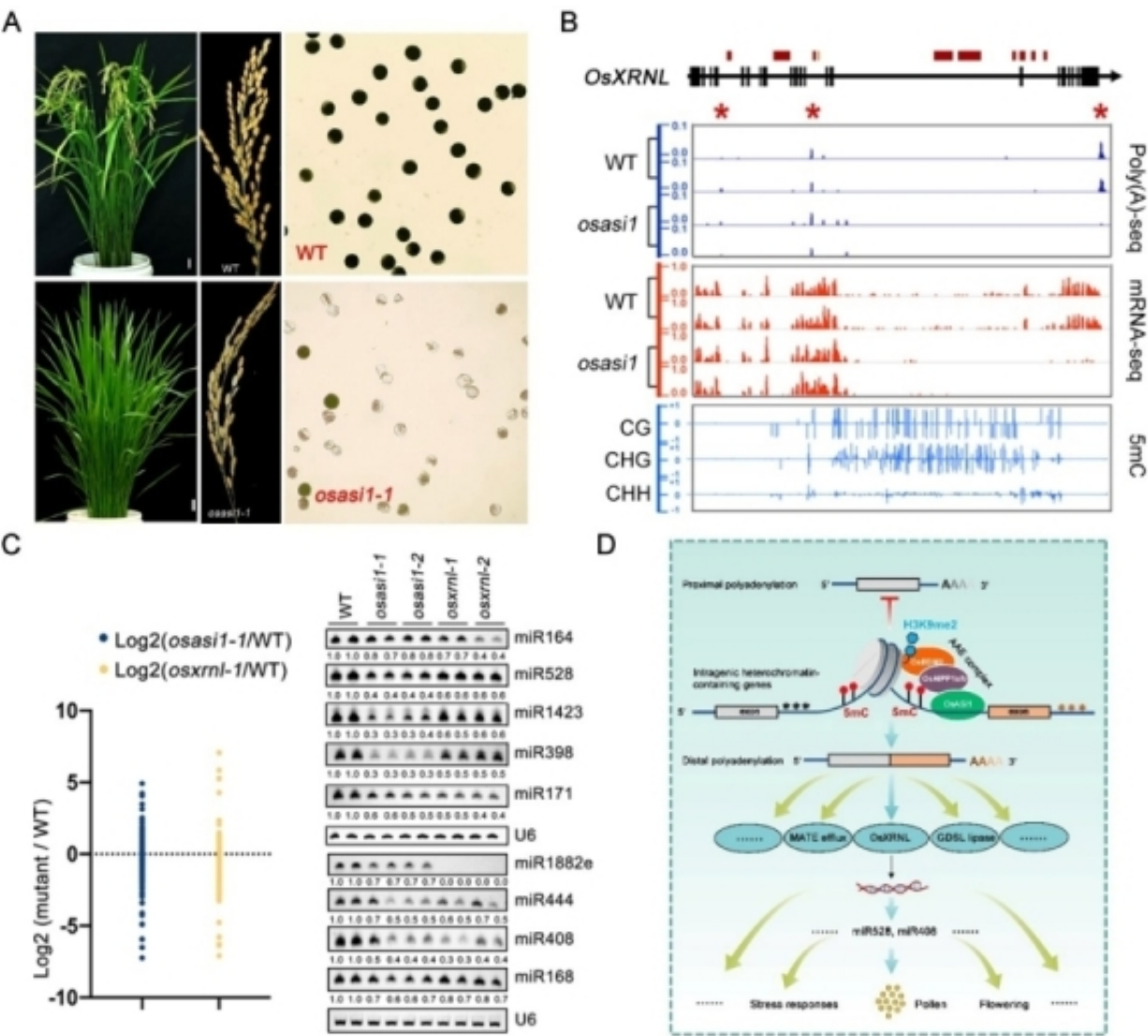
该研究中，段成国课题组通过进化分析和生化手段，在单子叶水稻中找到了AAE复合体的同源复合体，该复合体包含一个OsASI1、两个OsAIPP1（OsAIPP1a和OsAIPP1b）和一个OsEDM2，其组成与拟南芥AAE复合体高度相似，表明该复合体在植物中非常保守。通过突变分析，研究发现osaae突变体具有严重的花粉发育缺陷和晚花表型。Poly(A)高通量测序证实了在osaae突变体中大量基因的poly(A)加工发生了缺陷，包括脂类与离子代谢、发育与非生物胁迫等众多功能基因，而且APA缺陷基因和异染色质修饰密切相关。在众多基因中，研究人员发现，其中一个编码细胞核定位外切核酸酶的OsXRNL

基因受OsAAE复合体介导的APA调控，而OsXRNL参与了microRNA前体的降解。因此，OsAAE复合体通过控制OsXRNL外切核酸酶基因的APA加工调控水稻miRNA的积累，包括一些与花粉发育相关的miR528和miR408，从而影响水稻育性。该研究揭示了AAE复合体介导的表观遗传调控在

植物中的保守性以及在水稻等高等植物农艺性状形成过程中的重要性。

研究工作获得中科院战略性先导科技专项和国家自然科学基金等的资助。

论文链接



A. *osasi1-1*发育表型；B. 外切核酸酶基因*OsXRNL*上的表观遗传修饰与APA加工缺陷；C. *osasi1-1*突变影响水稻miRNA积累；D. *OsAAE*复合体调控APA控制水稻重要性状的工作模型

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发